

Relatório Microbioma Intestinal — Humano

Paciente: Homo sapiens · M5 Idade: 32 anos Sexo: M Data da amostra: 2026-04-15 Data do relatório: 2026-07-05 Lab: OmicaLabs SL — Pipeline: GenePortal Microbioma Humano v2.1 (metagenómica shotgun)

Aviso: Relatório de suporte clínico. Não constitui diagnóstico médico. A interpretação clínica requer correlação com o quadro clínico completo e exames complementares.

1. Quadro clínico principal (32a, M)

Veredicto principal: Dador FMT: NÃO APTO — Clostridium perfringens (1607 leituras), Clostridioides difficile (7433 leituras), Giardia intestinalis (G. duodenalis) (807 leituras). Qualquer patógeno intestinal exclui ou requer esclarecimento prévio à doação.

Perfil com disbiose ligeira (faixa ligeiramente alterada).

2. Dados clínicos do paciente

Campo	Valor
Espécie	human
Idade	32
Sexo	M
Peso (kg)	76.0
Dieta	mediterrânica/omni (rica em fibra, fruta, verdura, peixe, leguminosas)
Antibióticos últimos 30 dias	False
Antibiótico (fármaco)	—
Probióticos	False

Campo	Valor
Data da amostra	2026-04-15
Armazenamento	—
Geografia (ISO)	AU-QLD

2.1 Contexto clínico

Motivo do teste: Controlo saudável para estabelecimento de linha de base pessoal de microbioma intestinal. Dador em rastreio para programa de transplante de microbiota fecal (FMT).

Sintomas principais: - Assintomático gastrointestinal. Dejeções Bristol 3-4, 1-2/dia, sem desconforto abdominal.

Histórico relevante: - Sem antecedentes de doença gastrointestinal - Colonoscopia de rastreio FMT: mucosa endoscopicamente normal em todos os segmentos - Biópsias do cólon: sem achados histopatológicos (sem inflamação, sem displasia) - Serologias negativas: VIH, VHB, VHC, sífilis, Strongyloides, CMV, VEB - Coprocultura + parasitas: negativa (incluindo microsporídios, Cyclospora, Cystoisospora) - PCR toxina A/B C. difficile: negativa - Toxina A/B C. difficile nas fezes: negativa - Calprotectina fecal < 50 µg/g - Sem viagens a zonas tropicais nos últimos 12 meses - Sem tatuagens nem piercings nos últimos 6 meses - Exercício regular: corrida 3-4 vezes/semana + natação

Medicação atual: - Nenhuma

Antecedentes familiares: - Sem antecedentes familiares de DII, cancro colorrectal nem doença celíaca

3. Qualidade da amostra (QC)

Métrica	Valor	Estado
Leituras totais	42,015,912	—
Leituras do hospedeiro	0.0%	OK
Leituras pós-filtro	42,011,710	—
Leituras classificadas	12,633,594	—
NTC	—	—

Métrica	Valor	Estado
Mock community	—	—
Batch QC	Não avaliado	—

4. Composição taxonômica

4.1 Top 5 phyla

Phylum	Abundância %
Bacillota (Firmicutes)	58.33
Bacteroidota (Bacteroidetes)	36.06
Pseudomonadota (Proteobacteria)	2.29
Actinomycetota (Actinobacteria)	1.97
Thermodesulfobacteriota	0.75

4.2 Top 10 gêneros

Gênero	Abundância %
Bacteroides	29.18
Phocaeicola (reclassificação GTDB de Bacteroides (vulgatus, distasonis, etc.))	16.70
Alistipes	5.67
Parabacteroides	3.23
Odoribacter	0.90
Butyricimonas	0.06
Muribaculum (Muribaculaceae)	0.04
Paramuribaculum	0.04
Duncaniella	0.02

Gênero	Abundância %
Sodaliphilus	0.00

4.3 Gêneros de interesse clínico

- Phocaeicola (16.70%): Reclassificado de Bacteroides (GTDB). Implicado no metabolismo de ácidos biliares. Gênero comum na microbiota intestinal humana.
- Mediterraneibacter (1.83%): Reclassificado de Ruminococcus (GTDB). Produtor de acetato. Parte do grupo Lachnospiraceae, comum em microbiota saudável.

4.4 Diversidade alfa

Índice	Valor	Intervalo saudável
Shannon	2.538	2.5 - 4.5 (saudável)
Simpson	0.852	0.8 - 0.98 (saudável)
Chao1	799.1	—
ASVs observados	—	—
Equitabilidade de Pielou	0.436	—

5. Índice de Disbiose (proxy iHMP HMP2)

- Índice de Disbiose (soma de z-score): 0.602 (ligeiramente alterado)
- Rácio Bacillota / Bacteroidota: 1.618 (normal)
- Distância β (Bray-Curtis vs centroide saudável): 0.7643
- Distância β (Euclidiana, log10): 0.5974
- Método: iHMP_HMP2_zscore_proxy_human_v2
- Referência: iHMP_HMP2_2019 + Gevers2014_CellHostMicrobe + Gupta2020_NatureComms + Toto2024_PedIBD

⚠ Aviso:; não equivale ao DI clínico por qPCR.

5.1 Contribuição por táxon

Táxon	Abundância %	z-score	Direção	Contribuição
Faecalibacterium	16.06	0.01	saúde	-0.01
Roseburia	1.43	-0.25	saúde	+0.25
Alistipes	5.67	0.12	saúde	-0.12
Prevotella	0.010	0.37	saúde	-0.37
Ruminococcus	1.40	0.49	saúde	-0.49
Coprococcus	0.41	0.59	saúde	-0.59
Subdoligranulum	0.07	-2.31	saúde	+2.31
Akkermansia	0.21	0.65	saúde	-0.65
Escherichia coli	0.03	0.28	disbiose	+0.28
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (não detetado)	0.00	disbiose	0.00

- 1/10 táxones do painel não detetados — o DI deve ser interpretado com cautela.
- Δ Centroide calibrado contra referência populacional europeia (DMP europeu (Gacesa 2022, n=8.208)); pendente coorte espanhola local. A distância β e o DI derivado têm precisão reduzida para populações não europeias; interpretar como orientativo.

6. Espécies indicadoras (produtoras de SCFA)

Género	Detetado %	Intervalo saudável	Estado
Faecalibacterium	16.06	—	normal
Roseburia	1.43	—	normal
Alistipes	5.67	—	normal
Prevotella	0.01	—	normal
Ruminococcus	1.40	—	normal
Coprococcus	0.41	—	normal

Género	Detetado %	Intervalo saudável	Estado
Subdoligranulum	0.07	—	baixo
Akkermansia	0.21	—	normal
Escherichia coli	0.03	—	normal
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (não detetado)	—	baixo

Total de produtoras de SCFA: 60.96 % (saudável > 12 %)

7. Biomarcadores espécie-específicos (enriquecimento clínico)

Biomarcadores clínicos humanos (SoTA 2020-2025 — Gupta 2020 + Frioux 2023 + Zheng 2024)

- Enterosignatures (NMF soft): ES-B=66%, ES-P=0%, ES-F=31%, ES-Bf=2%, ES-Ec=0%
- EDS (Enterotype Dysbiosis Score): 0.34 (enterótipo misto)
- GMHI (Gut Microbiome Health Index): 0.36 (saudável (previsto))
- GMWI2 (Chang/Gupta 2024): -0.740 (fortemente não saudável) [43S/31NS táxones detetados]
- ICB = 12.1% (ótimo). Derivado de soma ponderada de géneros produtores (Faecalibacterium, Agathobacter, Roseburia, Eubacterium, Anaerobutyricum, Anaerostipes, Coprococcus, Butyricicoccus, Subdoligranulum). NÃO é concentração fecal de SCFA; correlação qualitativa com produção butirogénica.
- Risco de C. difficile: baixo
- Assinaturas de doença:
 - Colite Ulcerosa (painel Zheng 2024): 1 spp enriquecidas, AUC=0.9 — 2 depletadas detetadas. APENAS RASTREIO — NÃO diagnóstico.

CRC / DII — Rastreio (NÃO diagnóstico)

- Painel DII Zheng 2024: CU score=-6.19 | EC score=N/D | Score contínuo, sem limiar diagnóstico validado.
 - Painel CU: 1 spp enriquecidas + 2 spp depletadas detetadas
 - Painel EC: 0 spp enriquecidas + 0 spp depletadas detetadas

- Nota: 2 espécies do painel não detetáveis com MetaPhlAn 4
- Ref: Zheng et al. 2024, Nature Medicine 30:3555-3567, PMID: 39367251
- LIMITAÇÃO: painel m-ddPCR validado (AUC=0.88 CU, 0.87 EC). A abordagem metagenómica NÃO está validada externamente para diagnóstico clínico.

Controlo de Qualidade

- Estado QC do lote: Não avaliado
- Géneros benéficos: detetados
 - Prevotella alterado (0.01%) — Fermentador de fibra, saudável em dietas não ocidentais (P. copri)
 - Lactobacillus alterado (0.00%) — Probiótico, produtor de lactato; suporte da barreira intestinal

ALERTAS MODERADOS (2 alertas)

- Índice de disbiose=0.6 — ligeiramente alterado
- DI ligeiramente alterado
- Idade estimada: 32 anos (declarada) (segundo dados do paciente)

Interpretação clínica

Enterótipo ES-B (Bacteroides-dominant) com pertença forte (0.66). Perfil compatível com Bacteroides-dominant. Os enterótipos representam tendências contínuas, não categorias discretas (Bulygin 2023).

Limitações (12)

- NÃO existe equivalente ACMG para interpretação de microbioma. Estas métricas são orientativas e devem integrar-se com o quadro clínico completo.
- Enterótipos: NÃO são categorias discretas (Costea 2018, Bulygin 2023). Representam tendências contínuas numa variedade não linear.
- GMHI requer dados ao nível da espécie. MetaPhlAn 4 usa taxonomia GTDB (SGBs) enquanto GMHI usa NCBI. O mapeamento SGB→NCBI é aproximado.
- Painel DI V2 (10 géneros): assimétrico 8:2, AUC=0.745, validação externa: coorte independente em curso.
- O rácio F/B NÃO é um biomarcador fiável independente (Finucane 2014 PLOS ONE; Magne 2020 Nutrients). Interpretar com DI, diversidade e contexto clínico.
- A deteção de ARGs a partir de metagenoma NÃO equivale a resistência fenotípica. EUCAST 2024: VME < 5% em apenas 44% dos antibióticos.

- As assinaturas de doença (IBD/CRC/T2D/obesidade) são FERRAMENTAS DE RASTREIO — NÃO diagnósticas.
- Os intervalos de referência provêm principalmente do Dutch Microbiome Project (n=8,208, população europeia). A sua aplicabilidade a outras populações requer validação.
- A diversidade alfa (Shannon) é uma medida ecológica grosseira que NÃO prediz resultados clínicos por si só.
- Q2PD (Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015) é um índice funcional baseado em vias metabólicas de MetaCyc. Atualmente NÃO DISPONÍVEL.
- Fármacos que alteram o trânsito intestinal (loperamida, opioides) ou o pH gástrico (IBP/PPI) podem modificar a composição do microbioma por alterações no tempo de residência e na acidez luminal. Interpretar com cautela se o paciente os recebeu nas 2 semanas anteriores à colheita da amostra.
- Este relatório é para uso em investigação e contexto clínico. Não constitui diagnóstico médico. ISO/TS 24420:2023 abrange o processamento de dados metagenômicos.

Referências (25)

- Frioux et al. 2023, Cell Host & Microbe 31:1111-1125 (5 ES, 5,230 metagenomas)
- Keller et al. 2024, bioRxiv 2024.08.13.607711 (fuzzy enterotyping, EDS, 16,772 metagenomas)
- Bulygin et al. 2023, PeerJ 11:e15764 (no discrete clusters — manifold learning)
- Gupta et al. 2020, Nature Comms 11:4635 (GMHI, 50 species, AUC=0.73)
- Sun et al. 2024, npj Biofilms 10:96 (GMHI validation, 6,314 metagenomas, AUC=0.825)
- Gevers et al. 2014, Cell Host Microbe 15:382-392 (MD-index)
- Zheng et al. 2024, Nature Medicine 30:3555-3567 (IBD panels, 5,979 metagenomas)
- Piccinno/Segata/Huttenhower 2025, Nature Medicine (CRC pooled 3,741, AUC=0.85)
- Mei/Huttenhower et al. 2024, Nature Medicine 30:2265-2276 (T2D, 8,117 metagenomas)
- Chanda & De 2024, Gut Microbes 16:2304900 (obesity 25 spp, AUC=0.85)
- Gacesa et al. 2022, Nature 604:732-739 (DMP, n=8,208, 9 core species)
- Asnicar et al. 2021, Nature Medicine 27:321-332 (PREDICT 1, n=1,098)
- Andreu-Sanchez/Segata/Fu et al. 2025, Cell (32,152 metagenomes, 42 countries)
- Mancabelli et al. 2024, mSystems (6,653 samples, 5 life stages)
- Shao et al. 2024, Nature Microbiology (1,288 UK neonates, 3 community states)
- Vaiserman et al. 2020, BMC Microbiol 20:114 (F/B age-stratified, n=1,550)
- Finucane et al. 2014, PLOS ONE 9:e84689 (F/B NOT reliable standalone biomarker)

- Magne et al. 2020, Nutrients 12:1474 (F/B critical review)
- Vital et al. 2017, mBio 8:e01492-17 (butyrate producers)
- Dong et al. 2024, Nature Comms (VFDB 2.0 + MetaVF, 62,332 VFGs)
- Lessa et al. 2015, NEJM 372:825-834 (C. difficile epidemiology)
- EUCAST 2024: metagenomic ARG $\neq$ phenotypic AST
- Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015 (Q2PD, PMID: 40117176, pathway-based dysbiosis, >8,000 samples, outperforms GMHI/hiPCA for IBD)
- ISO/TS 24420:2023 — shotgun metagenomic data processing
- STROBE-Metagenomics, Lancet Infect Dis, Oct 2025

8. Perfilagem funcional (HUMAnN 3 + dbCAN 3)

Vias metabólicas mais representadas (top 10)

Via metabólica	Abundância (RPKM)	Interpretação clínica
PWY-7238: sucrose biosynthesis II	27,840	Metabolismo de hidratos de carbono — Biossíntese de sacarose. Indica atividade glicolítica bacteriana ativa.
PWY-1042: glycolysis IV	23,237	Glicólise — Glicólise (glicólise EMP). Via central do metabolismo energético bacteriano.
VALSYN-PWY: L-valine biosynthesis	21,461	Síntese de aminoácidos — Biossíntese de valina. Atividade metabólica basal.
DTDPRHAMSYN-PWY: dTDP-β-L-rhamnose biosynthesis	21,021	Síntese da parede celular — Biossíntese de dTDP-L-ramnose (componente de LPS e parede).
PWY-5686: UMP biosynthesis I	20,900	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de UMP (uridina). Atividade proliferativa bacteriana basal.
PWY-7790: UMP biosynthesis II	20,900	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de UMP (via alternativa). Atividade proliferativa bacteriana.
PWY-7791: UMP biosynthesis III	20,900	Síntese de nucleótidos — Biossíntese de UMP

Via metabólica	Abundância (RPKM)	Interpretação clínica
		(via alternativa). Atividade proliferativa bacteriana.
PWY66-429: fatty acid biosynthesis initiation (mitochondria)	20,593	Atividade metabólica bacteriana — Via metabólica bacteriana — parte do metabolismo basal do microbioma intestinal.
PWY-6163: chorismate biosynthesis from 3-dehydroquinate	20,541	Síntese de aminoácidos — Biossíntese de corismato (precursor de aminoácidos aromáticos).
GLYCOGENSYNTH-PWY: glycogen biosynthesis I (from ADP-D-Glucose)	10,256	Metabolismo do glicogénio — Biossíntese de glicogénio bacteriano. Reserva energética.

601 vias detetadas no total por HUMAnN 3. Mostram-se as 10 com maior abundância (RPKM), excluindo leituras não classificadas.

Nota: As vias mais representadas correspondem principalmente a atividade metabólica basal (housekeeping) da microbiota comensal — glicólise, síntese de aminoácidos, nucleótidos e parede celular. A relevância clínica é global (indica atividade metabólica do microbioma), não individual. Alterações na abundância relativa de vias específicas (butirato, ácidos biliares, LPS) são mais informativas do que a presença de vias housekeeping.

8.1 Avaliação funcional global

Das 10 vias mais abundantes, 8 são vias housekeeping (metabolismo basal: glicólise, aminoácidos, nucleótidos, parede celular) e 2 são vias de metabolismo especializado (fermentação, reserva energética, isoprenoides).

Interpretação: A diversidade de vias metabólicas ativas indica uma microbiota metabolicamente competente. A presença de múltiplas vias housekeeping em alta abundância é o esperado num microbioma metabolicamente ativo — significa que as bactérias estão vivas, a reproduzir-se e a processar nutrientes.

Relevância clínica das vias funcionais: a presença de vias housekeeping é necessária mas não suficiente para um microbioma saudável. O clinicamente relevante é a depleção de vias específicas de produção de butirato (via butiril-CoA acetato CoA-transferase) e a elevação de vias pró-inflamatórias (síntese de LPS, flagelos). Estas alterações funcionais já se refletem nos biomarcadores da secção 7 (capacidade butirogénica, risco de *C. difficile*) e são mais acionáveis clinicamente do que a abundância individual de cada via housekeeping.

9. Patógenos detetados (bacterianos + eucariotas + fungos)

9.1 Patógenos bacterianos

[MODERADO] *Clostridium perfringens* — MODERADO - Abundância: 0.00% | leituras: 1,607 -
Significado clínico: Genes *cpe/cpa/netE/netF* NÃO detetados por metagenômica. *cpe* codifica a enterotoxina responsável pela intoxicação alimentar (tipo A) e pela enterite necrosante (tipo C). *cpa* (alfa-toxina) é o marcador de gangrena gasosa. Se o paciente está assintomático, este isolado representa provavelmente colonização comensal.

[MODERADO] *Clostridioides difficile* — MODERADO - Abundância: 0.00% | leituras: 7,433 -
Significado clínico: *tcdA/tcdB* NÃO detetados por metagenômica — estirpe NÃO toxigénica. Colonização assintomática, não requer tratamento com vancomicina oral nem fidaxomicina. Confirmar com PCR de toxinas A/B se houver clínica compatível (diarreia, febre, leucocitose). McDonald 2018 IDSA/SHEA Clin Infect Dis 66:e1.

[BAIXO] *Giardia intestinalis* (*G. duodenalis*) — BAIXO - Abundância: 0.00% | leituras: 807 -
Significado clínico: Giardíase — principal parasitose intestinal com potencial de notificação (assemblages A e B). Diarreia crónica.

9.3 Fungos (micobioma)

Nota sobre deteção fúngica por shotgun metagenómico: A biomassa fúngica nas fezes é tipicamente <0.1% do metagenoma total (Nash et al. 2017, Microbiome). A sensibilidade do shotgun para fungos é inferior à das bactérias devido à baixa abundância, parede celular resistente à lise (quitina/glucanos) e genomas grandes com menor cobertura por profundidade de sequenciação. Um resultado negativo NÃO descarta infeção fúngica clinicamente relevante. Interpretar sempre no contexto clínico e dietético do paciente.

Metodologia de classificação: Os fungos são classificados segundo a matriz BugID/BugSeq (2026): classificação clínica da espécie (segundo listas de prioridade WHO/ECDC) × limiar universal de sinal. O limiar foi calibrado relativamente à distribuição natural de abundância fúngica em metagenoma fecal humano: o ponto de corte a 10 RPM separa o fundo micobiótico normal do sinal elevado, de forma consistente com o mínimo de reporte da MetaMIC. Um limiar absoluto mínimo de 30 leituras filtra o ruído de cross-mapping.

IMPORTANTE: Não existem limiares validados por espécie na literatura para fungos nas fezes por shotgun — estes limiares são de rastreio, não diagnósticos. Toda a deteção ao nível de traços requer confirmação ortogonal (cultura + PCR ITS) antes de tomar decisões clínicas.

Possíveis traços

- *Candida auris* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 209 | 5.0 RPM
 - Significado clínico: WHO CRITICAL Priority 1. Patógeno nosocomial MDR emergente. Resistente a azóis, frequentemente a equinocandinas,

ocasionalmente a anfotericina B. Colonização intestinal = reservatório potencial de surtos em UCI. A detecção em paciente hospitalizado/imunossuprimido requer confirmação urgente e avaliação da ativação do protocolo de controlo de infeções. Em paciente ambulatorio imunocompetente, as detecções de baixo sinal (<10 RPM) têm alta probabilidade de serem cross-mapping de Kraken2 — confirmar sempre com cultura antes de agir.

- Padrão de referência confirmatório: Cultura em CHROMagar + MALDI-TOF (pode confundir-se com *C. haemulonii* em sistemas Vitek2) + PCR específica de *C. auris* + sequenciação D1/D2
- ⚠ WHO CRITICAL PRIORITY 1 — detecção ao nível de traços. Detetam-se leituras compatíveis com *Candida auris* mas abaixo do limiar de sinal clínico (10 RPM). Em paciente ambulatorio imunocompetente sem hospitalização recente, a probabilidade de ser um falso positivo por cross-mapping de Kraken2 é alta. NÃO ativar protocolo de controlo de infeções sem confirmação prévia por cultura em CHROMagar + MALDI-TOF + PCR específica. Se o paciente está hospitalizado, em UCI, ou imunossuprimido, considerar confirmação urgente e ativar o protocolo se se confirmar.
- *Candida krusei* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 69 | 1.6 RPM
 - Significado clínico: Resistente INTRINSECAMENTE ao fluconazol. Emergente em onco-hematologia com profilaxia com azóis. Detecção nas fezes + neutropenia + profilaxia com fluconazol = ALTO valor clínico (pressão seletiva). Mortalidade 40-60%.
 - Padrão de referência confirmatório: Cultura em CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS (colónias rosa-pálido distintivas em CHROMagar)
- *Cryptococcus neoformans* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 235 | 5.6 RPM
 - Significado clínico: Levedura encapsulada oportunista. Meningoencefalite em SIDA (CD4<100). Colonização intestinal documentada como porta de entrada. Detecção fecal + SIDA/imunossupressão celular grave → despiste sistémico (CrAg sérico urgente). Em imunocompetente: ambiental (fezes de pombo/eucalipto).
 - Padrão de referência confirmatório: Tinta da Índia no LCR + cultura Sabouraud + teste da urease + aglutinação em látex (CrAg) + MALDI-TOF

Achados incidentais

- *Aspergillus flavus* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 150 | 3.6 RPM
 - Significado clínico: 2.º *Aspergillus* clínico. Produtor de aflatoxinas (carcinogénio IARC Grupo 1). Sinusite fúngica invasiva + queratite. Detecção fecal: possível colonização pré-invasiva em imunossuprimido OU exposição dietética a aflatoxinas (cereais/frutos secos).

- Padrão de referência confirmatório: Cultura Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS/calmodulina + galactomanano
- *Candida parapsilosis* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 188 | 4.5 RPM
 - Significado clínico: 3.^a *Candida* clínica. Associada a neonatos de UCIN, cateteres, NPT. Forma biofilmes sobre dispositivos. Relevante em hospitalização prolongada. Geralmente sensível a azóis.
 - Padrão de referência confirmatório: Cultura + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Candida tropicalis* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 106 | 2.5 RPM
 - Significado clínico: 4.^a *Candida* clínica. Altamente virulenta (proteínases, filamentação). Associada a neutropenia profunda onco-hematológica. Maior invasão tissular do que outras *Candida* spp. Mortalidade 30-50% em candidemia.
 - Padrão de referência confirmatório: Cultura em CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Candida albicans* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 79 | 1.9 RPM
 - Significado clínico: Levedura comensal GI mais frequente. Patógeno oportunista em imunossuprimidos (neutropenia, transplante, SIDA). Candidíase invasiva a partir do trato GI. >0.1% em paciente com fatores de risco = sobrecrecimento relevante.
 - Padrão de referência confirmatório: Cultura em CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS1/ITS2
- *Saccharomyces cerevisiae* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 127 | 3.0 RPM
 - Significado clínico: Levedura de panificação/cerveja. A maioria dos casos = DIETÉTICO (pão, cerveja, vinho, queijo, probióticos *S. boulardii*). Em UCI/imunossuprimido grave pode causar fungemia por translocação. ADVERTÊNCIA FP: dieta rica em pão/cerveja/queijo → leituras positivas sem infecção real. Interpretar SEMPRE em contexto dietético.
 - Padrão de referência confirmatório: Cultura Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Candida glabrata* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 105 | 2.5 RPM
 - Significado clínico: 2.^a *Candida* clínica. Resistência ao fluconazol frequente (CIM elevada intrínseca). Emergente em UCI/onco-hematologia/transplante. Detecção fecal relevante se profilaxia com azóis prévia. Candidemia com mortalidade 40-50%.
 - Padrão de referência confirmatório: Cultura em CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Pneumocystis jirovecii* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 33 | 0.8 RPM
 - Significado clínico: Fungo atípico. Pneumonia PCP em imunossuprimidos graves (SIDA CD4<200, transplante, corticoides, anti-TNF). Colonização intestinal

documentada em VIH+ pode preceder infecção pulmonar. QUALQUER detecção fecal + fatores de risco de PCP + clínica respiratória → despiste urgente (beta-D-glucano + PCR no BAL). Em imunocompetente: colonização subclínica autolimitada.

- Padrão de referência confirmatório: PCR específica de *P. jirovecii* (mtLSU rRNA ou beta-tubulina) no BAL/escarro induzido + beta-D-glucano sérico + imunofluorescência direta
- *Malassezia restricta* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 79 | 1.9 RPM
 - Significado clínico: Comensal lipofílico cutâneo. Associação emergente com Crohn (Limon 2019 mBio) e CU — possível papel na inflamação intestinal via imunidade antifúngica Th17. Em DII: biomarcador de disbiose fúngica. Em saudável: contaminação cutânea ou comensalismo sem significado.
 - Padrão de referência confirmatório: PCR ITS + cultura em meio Dixon (requer lípidos; não cresce em Sabouraud padrão)
- *Malassezia globosa* (fungo) — Abundância: 0.0000% | leituras: 60 | 1.4 RPM
 - Significado clínico: Comensal cutâneo lipofílico. Em conjunto com *M. restricta*, associado a microbioma intestinal com DII (Crohn, CU). Possível desencadeador de inflamação via dectin-1/CARD9. Em DII ativa: marcador de microbioma pró-inflamatório. Em saudável: sem significado clínico.
 - Padrão de referência confirmatório: PCR ITS + cultura em meio Dixon modificado

Padrão de referência confirmatório para fungos: Cultura em meio CHROMagar/Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS1/ITS2. A identificação taxonômica por shotgun tem valor de rastreio; a confirmação da espécie e o antifungigrama requerem isolamento em cultura.

△ Abundância muito baixa (<0.01%). A detecção de fungos ao nível de traços em shotgun metagenômico pode refletir: (1) colonização subclínica real, (2) contaminação ambiental (esporos ubíquos), ou (3) origem dietética (pão, cerveja, queijo, probióticos). A parede celular fúngica (quitina/glucanos) é resistente à lise padrão da extração de ADN, o que subestima a abundância real. Correlacionar com a clínica e considerar cultura dirigida se houver fatores de risco (imunossupressão, hospitalização prolongada, nutrição parentérica, antibioterapia de largo espectro).

ADVERTÊNCIA — Falsos positivos dietéticos: A detecção de ADN de *Saccharomyces cerevisiae* (levedura de panificação/cerveja) é frequente em shotgun fecal e quase sempre reflete consumo dietético recente (pão, cerveja, vinho, queijo, probióticos *S. boulardii*), NÃO infecção. Interpretar SEMPRE em contexto dietético antes de atribuir significado clínico.

9.4 Vírus / fagos

- Fago: uncultured phage cr2_1: 0.0051%

- Fago: uncultured phage cr13_1: 0.0047%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Brigit: 0.0024%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Taranis: 0.0022%
- Fago: Faecalibacterium phage FP_Epona: 0.0006%

Nota clínica: Os vírus detetados são bacteriófagos comensais, componentes normais do microbioma intestinal sem implicação clínica conhecida. Não se detetaram vírus de ADN humanos patogénicos acima dos limiares de relatório.

10. Resistência antibiótica (genes AMR)

[OK] Não se detetaram genes de resistência adquirida nos contigs montados (AMRFinderPlus + VFDB).

Nota: A ausência de ARGs em metagenoma NÃO garante sensibilidade fenotípica. EUCAST 2024: VME < 5% em apenas 44% dos antibióticos. Requer cultura + antibiograma.

11. Recomendações priorizadas

Prioridade	Ação	Justificação	Padrão de referência	Prazo
COMPLEMENTAR	PCR confirmatória de Giardia intestinalis (G. duodenalis)	Detetado a 0.00%	PCR específica	1-2 semanas
URGENTE	Excluir o candidato para doação de FMT	Clostridium perfringens, Clostridioides difficile, Giardia intestinalis (G. duodenalis) detetados	Protocolo de exclusão de dador de FMT	Imediato

12. Conclusões clínicas

- Índice de disbiose: 0.602 (faixa ligeiramente alterada).
- Enterotype Dysbiosis Score: 0.34 (enterótipo misto).
- Dador FMT: NÃO APTO por deteção de Clostridium perfringens, Clostridioides difficile, Giardia intestinalis (G. duodenalis). Não é indicada a doação até confirmação/resolução segundo o protocolo.
- Não se detetaram genes de resistência antibiótica adquirida.
- Aviso: relatório de. Não constitui diagnóstico médico. A interpretação requer correlação clínica completa.

13. Metodologia e limitações — conformidade normativa

- STORMS guidelines, Mirzayi et al. Nat Med 2021
- MixS-Human v6.3.0 (Genomic Standards Consortium)
-
- EUCAST 2025 + IDSA/SHEA antimicrobial stewardship
- Pipeline: GenePortal Microbioma Humano v2.1 (metagenómica shotgun)
- Gerado: 2026-07-05 22:57

Limitações:

- O shotgun de ADN não deteta vírus de ARN (coronavírus, rotavírus, calicivírus, astrovírus); requer RNA-seq ou PCR específica.
- A abundância relativa não equivale a viabilidade nem a contagem absoluta de UFC; o DI numérico oficial requer qPCR quantitativa.
- O shotgun fornece genótipo AMR mas não perfil fenotípico (CMI); requer cultura dirigida + antibiograma.
- Patógenos críticos eucariotas (p. ex. Giardia, Cryptosporidium) requerem PCR específica como padrão de referência — a sensibilidade do shotgun a ~3-6M leituras é limitada.
- A interpretação clínica requer correlação com o quadro clínico, dieta, tratamentos prévios e outros exames complementares.

14. Validação

Função	Nome	Nº de cédula profissional
Responsável de análise (bioinformática)		OmicaLabs SL — Pipeline GenePortal Microbioma Humano v2.1
Responsável de validação clínica	Juan Carlos Barba Carretero	Nº Col. 002395189P

OmicaLabs SL — Relatório de suporte à decisão clínica. Processamento, análise e interpretação realizados em conformidade com STORMS (Mirzayi 2021), MixS-Human v6.3.0 e ISO/TS 24420:2023 para processamento de dados metagenómicos shotgun.